

CIRAD
ATP 96/21

SÉMINAIRE GESTION RAISONNÉE DES RÉSISTANCES
DES PLANTES AUX PATHOGÈNES

MONTPELLIER 11-12 SEPTEMBRE 1997

INTRODUCTION

Le CIRAD mène, à La Réunion, des recherches sur les résistances du maïs aux viroses tropicales depuis plus de 15 ans, en collaboration avec des partenaires africains et européens.

On trouve à La Réunion les trois principales viroses tropicales de basse altitude du maïs :

Le maize streak virus, MSV
le maize mosaic virus, MMV
et le maize stripe virus, MStV,

toutes trois transmises obligatoirement par insectes vecteurs, du genre *cicadulina* pour le MSV, et par *Peregrinus maidis* pour MMV et MStV.

Ces recherches, multidisciplinaires dès le début, concernaient les virus, les vecteurs, les résistances et surtout leurs interactions.

En terme de résistances :

elles ont été mises en évidence dans le matériel végétal réunionnais, rassemblées dans un composite, sélectionnées et fixées dans des lignées

les techniques de criblages (élevages de masse, infestations artificielles, notations symptomatologiques) ont été mises au point

les transferts de résistances dans des variétés intéressantes mais sensibles sont en cours, et plusieurs variétés résistantes au MSV sont diffusées

la génétique des résistances, et la cartographie des gènes en jeu sont bien avancées.

Parallèlement, des recherches ont eu lieu sur les vecteurs :

épidémiologie et dynamique des populations,

efficacité de la transmission du virus de l'insecte à la plante, et obstacles à cette transmission

mise en évidence et étude par électropénétrographie d'une résistance à la transmission

et sur le virus, principalement le MSV, notamment en terme de diversité des souches du virus et du devenir du virus dans la plante.

En terme de gestion des résistances, les études ont porté sur la stabilité de notre résistance au MSV dans l'espace, et sur le risque d'une évolution du virus lui permettant de surmonter cette résistance.

Stabilité dans l'espace d'une résistance du maïs à différentes souches de MSV

J. DINTINGER - M. PETERSCHMITT - A. PERNET - A. RODIER

La diversité des souches de MSV a été étudiée à l'échelle de La Réunion, et comparée aux séquences de souches africaines. Il ressort de ces études (transparent 1)

qu'il existe une homogénéité certaine entre les souches africaines d'une part, et entre les souches réunionnaises d'autre part

mais aussi que le groupe réunionnais est nettement distinct du groupe africain, et que la souche malgache n'a pu être classé dans aucun des 2 groupes.

L'analyse génétique biométrique et la recherche de QTL montrent que **la résistance au MSV** sélectionnée à La Réunion est polygénique. Un gène majeur à effet additif prédominant a été localisé sur le chromosome 1 et expliquerait 69 % de la variance phénotypique totale. La présence de gènes mineurs impliqués dans la résistance est très probable (au moins un détecté sur le chromosome 10).

Ce système confère une résistance très forte, quasi totale, au maïs face aux isolats réunionnais et aurait un effet global partiellement dominant. (transparent 2)

Afin de connaître l'efficacité et la stabilité de cette résistance vis à vis d'autres isolats viraux présents sur le continent africain, **un essai multilocal** a été réalisé dans 6 pays représentant la diversité du MSV sur le continent africain : Togo et Burkina (Afrique de l'Ouest), Cameroun (Afrique Centrale), Zimbabwe (Afrique de l'Est), Afrique du Sud et La Réunion.

L'essai comprenait des variétés de La Réunion, ayant reçues notre résistance, du Togo, l'un de nos partenaires dans ces recherches, utilisant la résistance de l'IITA selon un schéma de sélection particulier, du CIMMYT, utilisant aussi la résistance de l'IITA dans leurs conditions, et de l'IITA, toujours avec la même source de résistance mais en visant la tolérance plutôt qu'une résistance totale.

L'essai a été conduit sous infestation artificielle (réussie, comme le montre les notes des témoins sensibles). L'échelle de notation 1 (indemne) à 9 (plant mort) a été utilisée partout sauf au Zimbabwe. (échelle 1-5 transformée en 1-9 ensuite).

Les résultats (transparent 3, résultats du Burkina et d'Afrique du Sud non encore parvenus) montrent que :

- les notes moyennes sont comparables entre sites (sauf Zimbabwe, sans doute à cause de la transformation des notes),
- les différences entre variétés sont hautement significatives,

- le groupement des variétés (test de Newman Keuls) recouvre pratiquement l'origine des variétés :

- . la résistance des variétés réunionnaises est excellente (la plupart des plants sont indemnes de symptômes) et la plus élevée de toutes, avec des notes proches de 1;
- . les résistances du CIMMYT et du Togo sont bonnes (notes moyennes de 2) ;
- . les variétés de l'IITA sont nettement moins résistantes, avec des notes de 4 à 5 soit 20 à 40 % de surface foliaire présentant des symptômes.

L'interaction variétés x sites a été étudiée (transparent 4). On note particulièrement l'excellent groupement des variétés de La Réunion, qui reflète bien, comme la similitude des notes par site, la remarquable stabilité de notre résistance.

Il est donc possible de sélectionner une résistance forte, quasi totale, au MSV. De plus, cette résistance, polygénique, est parfaitement stable vis à vis de souches largement différentes de ce virus.

Mais est-elle stable dans le temps ou le virus va-t-il évoluer pour la surmonter ?

Evolution d'une souche de MSV en fonction de la résistance du maïs

B. REYNAUD - M. ISNARD - M. PETERSCHMITT

Nous avons passé 4 fois de suite (transparent 5) un isolat de MSV issu d'un plant faiblement attaqué d'une lignée, B422, à résistance forte, infestée par l'isolat de criblage de MSV de la station de Saint Pierre sur A211, lignée présentant également une résistance forte, et sur Sabrina, hybride sensible. La même manipulation a été faite avec l'isolat issu d'un plant fortement attaqué.

L'isolat N2A, maintenu sur A211, est le plus virulent et le plus agressif des 4 isolats obtenus, comme des isolats et des clones africains testés, nettement plus que N2SAB, maintenu sur l'hybride sensible (transparents 6 et 7). Cependant, les attaques restent faibles lorsqu'il est inoculé à A211 ou D211, autre lignée à résistance très élevée, comparées à celles notées en inoculant Sabrina (sensible) ou D255, lignée à résistance partielle.

Qu'avons nous fait ensuite ?

D'abord, repasser N2A sur génotype sensible (Sabrina) et voir ce qui se passe. La virulence et l'agressivité diminuent fortement, comme si le virus avait eu à fournir un "gros effort" pour surmonter la résistance de A211 et revenait, dès qu'on le remettait sur génotype sensible, à un état moins "stressant".

Ensuite, chercher à comprendre ce qui se passe, en clonant et séquençant N2A. Ces résultats faisant l'objet d'une thèse non encore soutenue ne seront pas détaillés ici. Les premiers résultats montrent que les clones obtenus sont généralement moins virulents que N2A.

Il est donc possible de faire évoluer un virus, maintenu sur une variété résistante, pour qu'il surmonte cette résistance, même très forte.

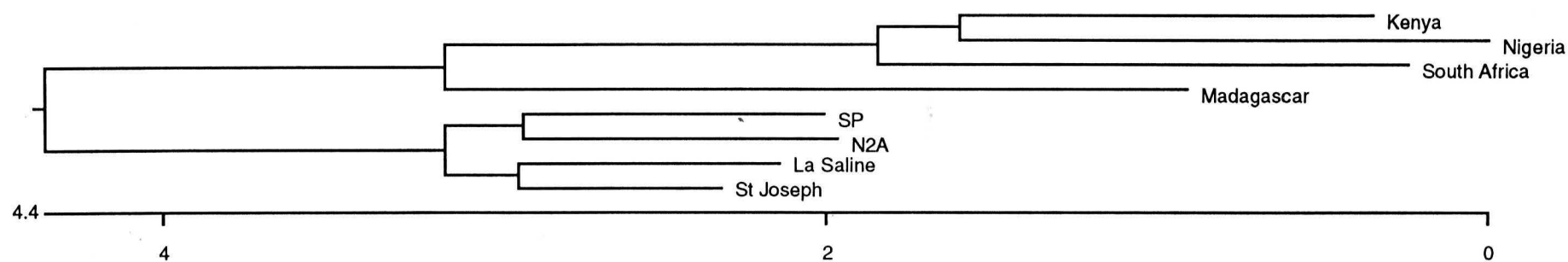
CONCLUSION

Nos résultats montrent donc qu'une résistance quasi totale, polygénique, peut être stable dans l'espace, vis à vis de souches assez différentes d'un virus, mais aussi qu'elle peut théoriquement être surmontée, tout au moins partiellement, par le virus qui évolue face à cette résistance. Cette résistance ne peut donc être qualifiée de réellement durable, du fait de la pression de sélection qu'elle exerce sur le virus. Néanmoins, en pratique, hors du cas de culture continue de maïs tout au long de l'année, sa durée de vie sera longue, d'autant plus que le passage obligé de l'inoculum viral sur d'autres poacées, sur lesquelles l'insecte se développe entre deux périodes de cultures, favorisera une baisse de virulence des isolats.

Nous avons aussi trouver une résistance à la transmission du virus de l'insecte à la plante, qui n'exerce pas de pression de sélection sur le virus ni sans doute sur l'insecte, pour qui le maïs n'est qu'un hôte parmi de nombreux autres.

La combinaison de ces deux résistances devrait augmenter la durabilité de la résistance globale.

A)

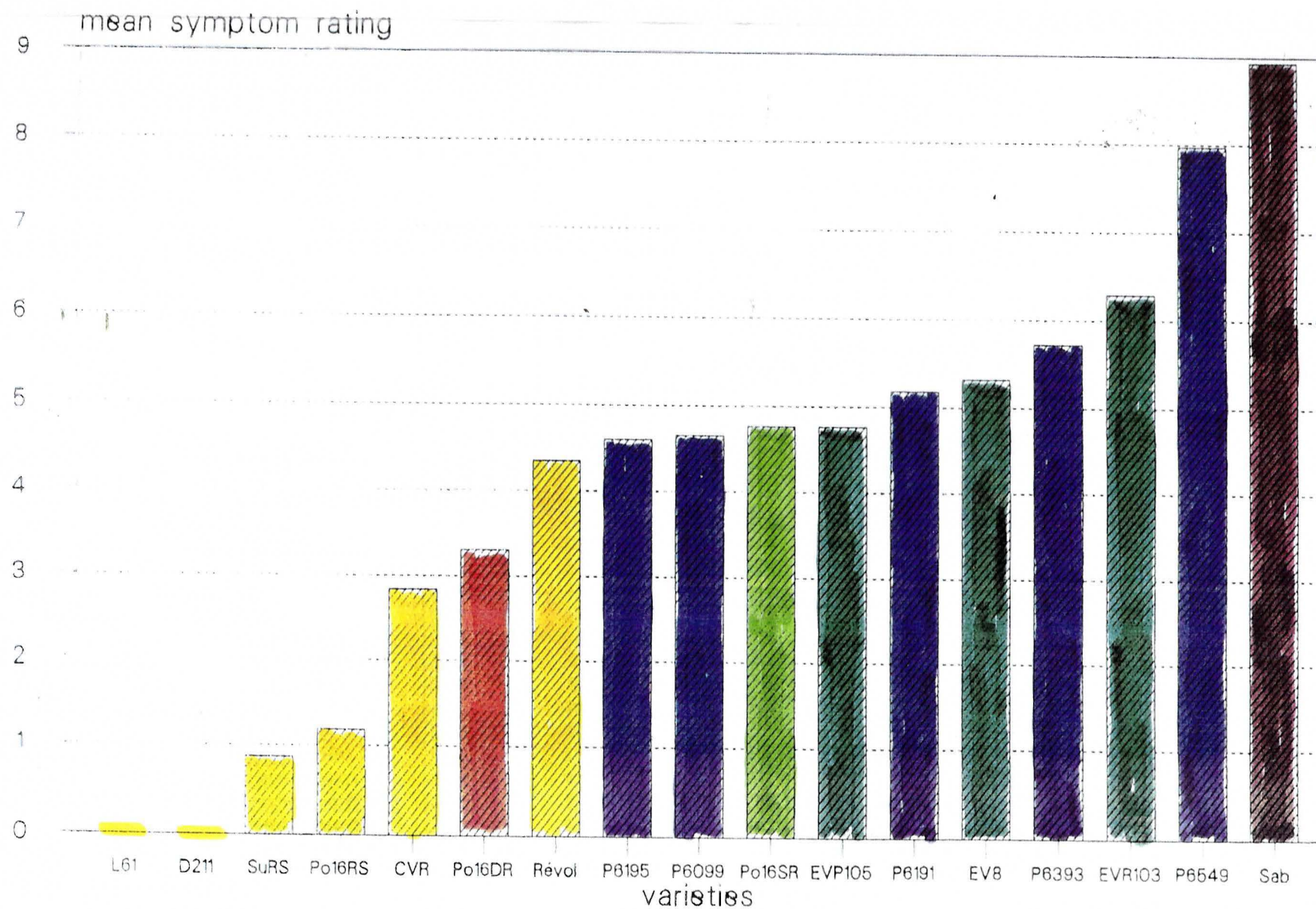


B)

South Africa	1								
Kenya	2	94.9							
Nigeria	3	96.5	95.1						
Madagascar	4	94.0	93.1	94.4					
La Saline	5	93.8	91.7	93.3	93.8				
St Joseph	6	93.1	91.0	92.8	93.8	98.1			
SP	7	93.1	91.0	92.6	93.5	97.5	98.1		
N2A	8	93.3	91.2	92.8	94.0	97.5	97.7	98.1	
	1	2	3	4	5	6	7	8	

Percent Similarity

Figure 4 (A et B) : Alignment of LIR sequence coming from African, Madagascar and Reunion isolates



MSV resistance evaluation of different materials from CIMMYT-Zimbabwe, CIRAD-Reunion, DRA-Togo, IITA-Nigeria, and PANNAR-South Africa

TABLE 1. ANOVA and SNK test for variable MSV rating 28 days after inoculation in each location and across locations
(In each location : mean, SNK grouping, rank)

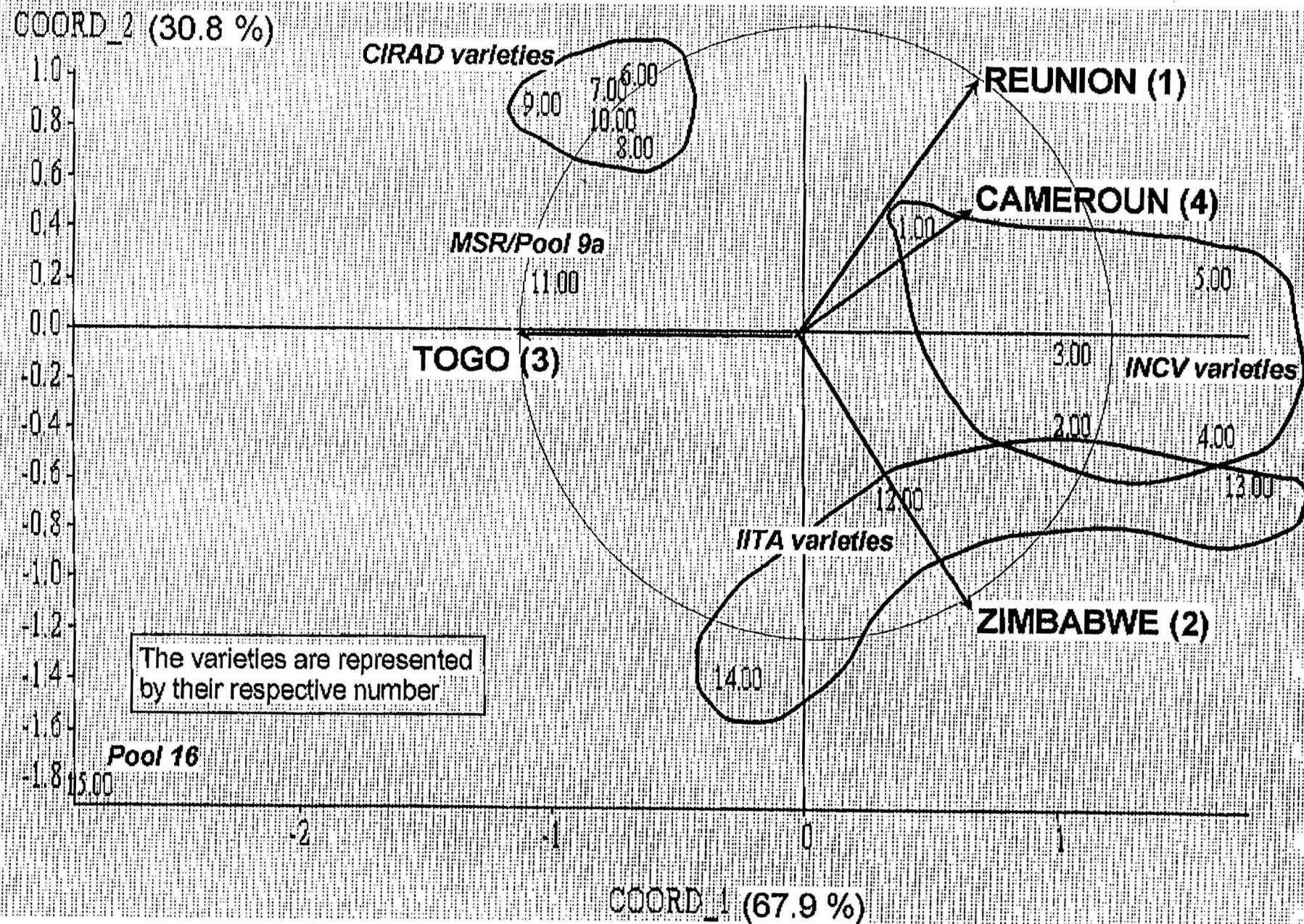
3

VARIETY NAME	VAR N°	origin	Réunion			Zimbabwe			Togo			Cameroun			across	
			means	SNK	rank	means	SNK	rank	means	SNK	rank	means	SNK	rank	weighted means	rank
CIRAD 388	10	CIRAD-REU	1.03	H	1	1.00	I	1	1.05	H	1	1.02	H	1	1.04	1
CIRAD 385	8	CIRAD-REU	1.05	H	2	1.17	I	5	1.09	H	2	1.06	H	3	1.08	2
CIRAD 386	6	CIRAD-REU	1.19	H	5	1.00	I	1	1.12	H	3	1.03	H	2	1.12	3
CIRAD 387	7	CIRAD-REU	1.17	H	3	1.00	I	1	1.16	H	4	1.06	H	4	1.14	4
CIRAD 389	9	CIRAD-REU	1.18	H	4	1.00	I	1	1.29	H	5	1.06	H	5	1.21	5
Pool16DR/RS	1	INCV-Togo	2.49	F	7	3.33	G	7	2.13	G	6	2.51	G	6	2.40	6
MSR/Pool9A	11	CIMMYT	2.18	G	6	2.83	H	6	2.55	F	11	3.02	EFG	8	2.50	7
Violet de Katfolo/RS	4	INCV-Togo	2.77	EF	10	4.83	E	11	2.21	G	7	2.66	FG	7	2.70	8
ZL 2 BD/RS	2	INCV-Togo	2.69	EF	8	4.50	EF	10	2.35	FG	10	3.15	EFG	10	2.74	9
Blanc 2 préc. /RS	3	INCV-Togo	2.73	EF	9	4.17	F	8	2.35	FG	9	3.55	DEF	11	2.75	10
AB21/RS	5	INCV-Togo	3.00	E	11	4.33	EF	9	2.26	FG	8	3.13	EFG	9	2.77	11
Blanc 2 préc. SR	13	IITA	4.05	D	12	6.50	D	13	3.46	E	12	3.89	CDE	12	4.01	12
Maka SR	12	IITA	4.18	CD	13	6.17	D	12	4.14	D	13	4.28	BCD	13	4.39	13
Pool16 SR	14	IITA	4.48	C	14	7.17	C	14	4.94	C	14	4.67	BC	14	5.03	14
Pool16	15	CIMMYT	5.43	B	15	7.83	B	15	6.94	B	15	4.88	B	15	6.45	15
IRAT 200	16	CIRAD	6.31	A	16										6.31	
R 201	17	Zim. Seed Coop				8.83	A	16							8.83	
Local Ativeme	18	Togo							8.15	A	16				8.15	
Local Bafia	19	Cameroun										6.65	A	16	6.65	
			Pr > F :	0.0001		Pr > F :	0.0001		Pr > F :	0.0001		Pr > F :	0.0001		Pr > F :	0.0001
			mean :	2.87		mean :	4.10		mean :	2.95		mean :	2.92		mean :	3.05
			C.V. :	9.20		C.V. :	10.57		C.V. :	6.85		C.V. :	19.81		C.V. :	9.54
			RootMSE :	0.284		RootMSE :	0.434		RootMSE :	0.202		RootMSE :	0.578		RootMSE :	0.291

Source	DF	Sum of squares	Mean Square	F Value	Pr > F
Location	3	49.14	16.38	193.03	0.0001
Variety	18	1409.12	78.28	922.52	0.0001
Loc. x Var.	42	65.68	1.56	18.40	0.0001
Replication	20	13.11	0.65	7.73	0.0001
Error	300	25.46	0.085		

Fig. 9 : VARIETY x LOCATION INTERACTION

Principal Components Analysis with varieties as individuals and locations as variables



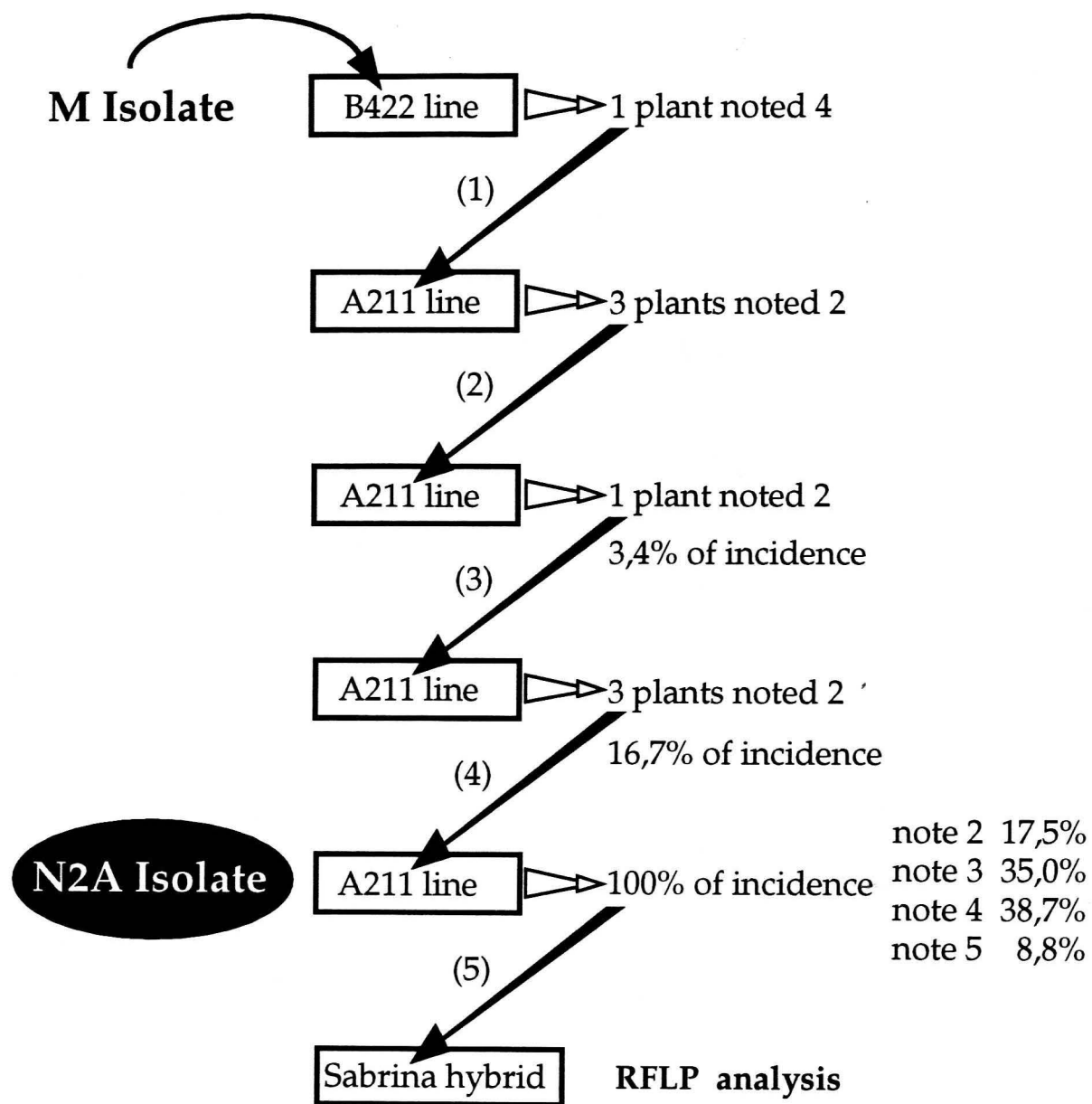
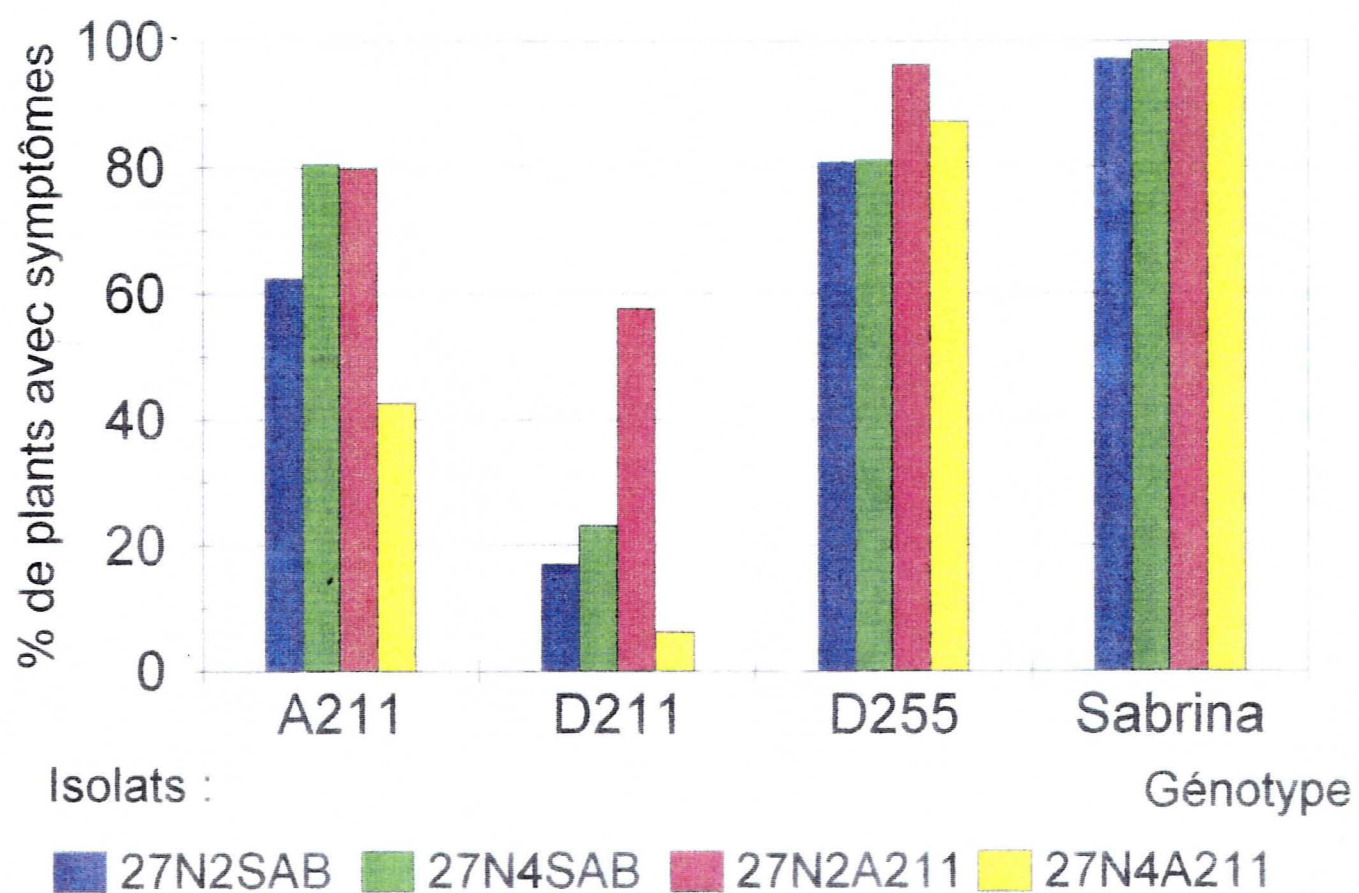


Figure 1: Selection of N2A isolate (thèse A.Rodier, 1993).

Fig. 6: Importance du MSV selon le génotype et l'isolat



**Fig.7: Importance des symptômes
selon le génotype et l'isolat**

